

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

QDLLLQSAAG DADSSSALPR SRRFTMVKIA FNTPTAVQKE EARQDVEALL SRTVRTQILT 60
GKELRVATQE KEGSSGRCLM TLLGLSFILA GLIVGGACIY KYFMPKSTIY RGEMCFFDSE120
DPANSLRGGE PNFLPVTEEA DIREDDNIAI IDVPVPSFSD SDPAIIHDF EKGMTAYLDL180
LLGNCYLMPL NTSIVMPPKN LVELFGKLAS GRYLPQTYVV REDLVAVEEI RDVSNLGIFI240
YQLCNNRKSF RLRRRDLLG FNKRAIDKCW KIRHFPNEFI VETKICQE 288

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 431 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

TCVPARRPGL KLSCLQYYTG PSNATAGMET EGSCLENPKY YNYVGVLSLI ATIMLVQVSH 60
MVKLTMLLV AGAVATINLY AWRPVFDEYD HKRFREHDLV MVALEQMGGF NPGLNGTDRL120
PLVPSKYSMT VMVFLMMLSF YYFSRHVEKL ARTLFLWKIE VHDQKERVYE MRRWNEALVT180
NMLPEHVARH FLGSKKRDEE LYSQTYDEIG VMFASLPNFA DFYTEESINN GGIECLRFLN240
EIIISDFDSSL DNPKFRVITK IKTIGSTYMA ASGVTPDVNT NGFASSNKED KSERERWQHL300
ADLADFALAM KDTLTNINNQ SFNNFMLRIG MNKGGVLAGV IGARKPHYDI WGNTVNVASR360
MESTGVMGNI QVVEETQVIL REYGFREFVRR GPIFVKGKGE LLTFFLKGRD KLATFPNGPS420
VTLPHQVVDN S 431

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

DE 198 16 395 A 1

APRYQKAWPT LASQPAAGGI CHEGSASLAR PAGASFCCHF VERYGFMGVP GTCLCAFVAV 60
CVTLTVPM SH PRPTALRKHL VRTSPHP SCL PSQQR PQRAI YTSRLAPGAL GGHC SVCLLP120
GLAGLACGAF PGP AWVTRCC HSARSVLTHQ GRWGLVRDAS LRLFPTEGPE SGATCHPRLR180
LVTRPPHPVC VYVIVTLNSI H 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

PLHGKISHPS PETDFRGKET RLLEDQPLL G KGLLRVSTA EQMAWGRQGS LGRGWEGGQR 60
PGRAPPSGGF GRCVPWCCHQ EPRGRGVGCD SPSLGPELVI SILRDITHPG QGLVPTLLND120
LQVAHLDAGG SEVQGSRT 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

VTASRDPGWP WEGATGEACE SREQADATVA PERARCQPRR VNGPLRALLG RKTRRVRRARP 60
HQVLPECRRT WVGHDSEGN TNSNECTKTS SRNTHKPITF NKMATKRRPC WPGEAGASFV120
ADATCSWLAG KRWPSFLVPG SSTA 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

20

HLGGLLGTRR VFPYSRRCPN RSAWLMLFAS FWIQGRKVLL FKLQLFHLVF FLFFPNLHRW 60
LFLKSTPFPFG VEAAIPMAMV PCATSTTLAH AIMSGRAMP TRWVPCDSSI CSLRDTRVHR120
IMAEQGGLVP RIS 133

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 412 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

GDSWHQPSLF RHDSVDSGVS KGAYAGITGN PSGWHSSSRG HDGMSQRSGG GTGNHRHWNG 60
SFHSRKGAFA QEKPPMEIRE EKKEDKVEKL QFEEEDFPSL NPEAGQHQF CRPIGTPSGV120
WENPPSAKQP SKMLVIKKVS KEDPAAAFSA AFTSPGSHHA NGNKLSSVVP SVYKNLVPKP180
VPPPSKPNW KANRMEHKSG SLSSSRESAF TSPISVTKPV VLASGAALSS PKESPSSTTP240
PIEISSRLT KLTRRTDRK SEFLKTLKDD RNGDFSENDR CDKLEDLEDN STPEPKENGE300
EGCHQNGLAL PVVEEGEVLV HSLEAEHRLK KAMGWQEYPE NDENCLPLTE DELKEFHMK360
EQLRRNGFGK NGFLQSRSSS LFSPWRSTCK AEFEDSDTET SSSETSDDDA WK 412

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

60

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

15 MLTVKSDPVN SVCLGSIQKK SFFSFSYVVE YFIHKGNNHI PKREQLACFA FVIVLPCYLL 60
YREKFVWDR FFKHTHTHTH IHTQYIWGDA QVGAGSAGKR RHWSAATAST TSPWGTHPCD120
QAIIVNDKVT IEVIIVLN 138

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115 :

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

25 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

45 GGLSAHFQTG PLAPRGHGED PAIPPHPGIK SHPRSWTRPP RMRRMRTETS RCTSARAWPR 60
PGKWRCATLC STTPHCPRPC RPPAHLHCH DLEADRRPPA PRPRGPRGGA GPGASH 116

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PPFFFFRRS EMDFNWLLSL ELPTRSCALR FSMPPPVWGS KPNRRGAGDQ EVSWHKGSGV 60
SLARGPRAW PRPSQKHTAS KHVFSGLQA LPLPGGLEVG EQVGVCLPPG HGSAGGELGA120
GRGADSAAWS NRGLRTSISP VGARPGHSYT VKSPSSFSSS EEAUSSSLGG SLCLGGGGSL180
GPPHALEVPV AQSGSGHSAH LSPGVAGEHS PG 212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

NYPPVPALYG SPCPLQFGGL NRTGEVQGTR RCPGTVKVRGS PWQGVPGPGA RGPASTQHQ 60
NMFLVGSSRP CPSPGASRSG SRWASVCLQV MAVQAVSWGP AGARTVRRGR TEGCAPPFPR120
SGPGPGTRTP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 118:

SSLWSLEPGK CVLVNLSKVG EYWWNAILEG EEPIDIDKIN KERSMATVDE EEQAVLDRLT 60
FDYHQKLQ GK PQSHELKVHE MLKKGWDAEG SPFRGQRFDP AMFNISPGAV QF 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119 :

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 119:

LQPRCKDEIM RQVLRPVFQV LTGALGAHRR EYGSAATGTV HLPVCQAQSM DKPHSRVHP 60
GTMHGQQESR PADAKRAYCQ GKVPAPAHSL WILGLWGLSW RVSLWEVSGL QWWLTPLVRK120
HSWEVFCGSK HVAPIITGEQ KALDTPFGM 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120 :

- (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 120:

TRRAPWNAG SQEGQPRIRL CLPTGEGFLS FWSLKLHSPR GDVEHGRVES LASEGRTFSI 60
PPLLQHLMDF QLMALWLALQ LLVVVKGKPV QHRLFLLIHG GHGALLVDLV NVDGLFSLQD120
GVPPILAHLA QVHQNALPGL ETPERT 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121 :

- (A) LÄNGE: 307 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 121:

RLDTLDRVVK PKTKRAKRF EKREPKLNEN IKNAMLIKGG NANATVTKVL KDVYALKKPY 60
GVLYKKKNIT RPFEDQTSLE FFSKKSDCSL FMFGSHNKKR PNNLVIGRM DYHVLDMIEL120
GIENFVSLKD IKNSKCEGT KPMLIFAGDD FDTVEDYRRL KSLIDFFRG PTVSNIRLAG180
LEYVLHFTAL NGKIYFRSYK LLLKKSGCRT PRIELEMGP SLDLVLRRTH LASDDLYKLS240
MKMPKALKPK KKKNISHDTF GTTYGRIHMQ KQDLSKLQTR KMKGLKKRPA ERITEDHEKK300
SKRIKKN 307

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122 :

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 122:

SSKGLVIFFF LYSTPYGFFS AYTSLSFVT VAFAPPLIS MAFLIFSLSF GSLFSRNLLA60
LFVLGFTTRS RVSNNRYRLQ LLTRGHARAL GDYVR 95

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123 :

45

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 123:

65

DE 198 16 395 A 1

LTLTFLGGIK LRNDTGSQES GLFGWILNHN QEIVFIWCNH NFIFLGANSK EGEIVLGVDV 60
THGAPCLQDE AVHEAGILGG GGVVHGALDG NAFCVHDDDS LHSLLALQSL QCLLHLCHFR120
PIR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124 :

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

RRKAQDSLVS RYAGLPDRSE MAEVEETLKR LQSQKGVQGI IVVNTGPI KSTMDNPTTT 60
QYASLMHSFI LKARSTVRDI DPQNDLTFLR IRSKKNEIMV APDKDYFLIV IQNPTE 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

FRIQPNKELS WLPVSFLNLM PPKNVNVNHV SGLAHGSRLE PHTNPTVC GLAALLPHQR 60
NPCVHQPSPE LRSALSSLPG FGARACRKPA PSFLLTFSSL CRPWRKLFFF N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 278 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

15

SKRFLVSSCR KTWQRMDVML LDTWDQVFVW VGKDSQEEEEK TEALTSAKRY IETDPANRDR 60
RTAITVVKQG FEPPSFVGVF LGWDDDYGSV VLKTPSAAYL WVG TGASEAE KTGAQELLRV120
LRAQPVQVAE GSEPDGFWEA LGGKAAARTS PRLKDKKMDA HPPRLFACSN KIGRFVIEEV180
PGELMQEDLA TDDVMLLDTW DQVFVWVGKD SQEEKTEAL TSAKRYIETD PANRDRRTPI240
TVVKQGFEPF SFVGWFLGWD DDYWSVDPLD RAMAELAA 278

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127 :

(A) LÄNGE: 233 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

45

IFAGLFLDTV KKKRTNTHQ QSCSARSKAS LREGQFQKAL TGD MGGP CPCS SGSQLSHGPV 60
QGVHRPVIII PAKEPAHKGK RLKALLHHGD GRPPIPIGWV RLDVPLSRSQ GFCLFFFLRI120
LSNPDKDLVP GVQKHQVIRC QVFLHELTRN LFDHKTSNLV GAGKEARRMG IHLVLQPWG180
CAVGSLPAQG LPEAIWLAAF CHLHRLGPQH PEQLLGPRLL CLAGSCTHPQ VGG 233

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128 :

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

TGNLALCIIS HVGKTSTLQL GFQYLAFIYF LAMTLTRFCQ VIKMRAFLRI TYSERVEWQS60
ARRHI 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

TTWMYFPPSL TELHLDGSKI SRVDAASLKG LNNLAKLGLS FNSISAVDNG SLANTPHLRE 60
LHLDNKKLTR VPGGLAEHKY IQVVYLHNNN ISVVGSSDFC PPGHNTKKAS YSGVSLFSNP120
VQYWEIQPST FRCVYVRSAL QLGNYK 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

GVLAREPLST AEMLLKLNPV LAKLFSPFRL AASTLLILLP SRCNSVREGG KYIQVVYLHN 60
NNISVVGSSD FCPPGHNTKK ASYSGVSLFS NPVQYWEIQP STFRCVYVRS AIQLGNYK 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

20

DCPNVQNYII LTLKSCERVA AVSLAHCDFK PKEELLIKDA QPCDQEPPNT GHEETRRGRS 60
FIKRPFGTPE PGPVFKGDRG ILGPLHLQLA TFGQSFSALG LCF 103

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

LTKCGQLQVK GPQYPPISLK HRAGKGGSKG PFYERPAPPS FLMASIWRFL ITGLGILDQE60
FLLGFEVTG KADSSNPFT 79

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133

DCPNVQNYII LTLKSCERVA AVSLAHCDFK PKEELLKMP NPVIRTSKYC HEKLEGRS 58:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

VDVLGHFEFL SNFLFSPSGG LKRWGNWSTV SLGLSQKTKK ILLLLRLPQC TELYNSNA 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

PPSPNNRDRK GVQRPFYQDL PSSFSWQYLE VLITGLGILI KSSSLGLKSQ WARLTAATLS60
HDL SVRII 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136 :

(A) LÄNGE: 235 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

20

GSQGREGWEG QTLPRQSSHW TGHQTASQGL ALPFPPTPTQ VEGEQLSPEP MLVKVSAQHG 60
TNISGEPEGI QHWEQVEKGC VAGVTEPGFD GDGIVWMAV SPWGVIQDHN AGEVTVDHRE120
VLDVAAQLQS AVLSVISPLK NASAIVQFIC HSRAIDLHAC CKHHQLVPLA HHFQEEIHMG180
PLMYKKPDRM FVYYHLEDEV RRRTRPDCGP QDPIMVGVNK CLIQIQHQDL PLHLG 235

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

FPFPPGLGGP HPSPTCLGPQ PAPKPSVPLP AHVGPRGLPT PVPQLPVPLG FTLARGGFLS 60
GPZRAPLCSV SCHSGPPCPV PAAGGCPRGA GGAGPRGPRG RRCRVIGMMR TQCLLGLRTF120
VAFAAKLWSF FIYLLRRQIR TVIQYQTVRY DILPLSPVSR NRLAQVKRKI LVLDLDETLI180
HSHHDGVLRP TVRPGTPPDF ILKVVIDKHP VRFFVHKRPH VDFFLEVVSQ WYELVVFTAS240
MEIYGSAVAD KLDNSRSILK RRYRQHCTL ELGSYIKDLS VVHSDLSSIV ILDNSPGAYR300
SHPDNAIPIK SWFSDPSDTA LLNLLPMLDA LRFTADVRSV LSRNLHQHRL W 351

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138 :

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

KHTPLLSPIL HFQFRLTQGL FFLCGSSTCM CPPVNETGTC TLVFLTPKIN LQIRPSSFLF60
PS 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139 :

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

CHEGNNRLLG LICKLIFGVR KTSVHVPVSL TGGHMQVEEP QRKKRPCVRR NWKCKMGERS60
GVC 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

DE 198 16 395 A 1

AASSAVMGLI ETTRGLLPGA GGTQRLPRCL GVALAKELIF TGRRLSGTEA HVLGLVNHAV 60
AQNEEGDAAY QRARALAEI LPQAPIAVRL GKVAIDRGTE VDIASGMAIE GMCYAQNIPT120
RDRLEGMAAF REKRTPKFVG K 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

GVSENRVSLD ILQSATVLGF QPKAKLRQGR AQRVLRQKLL PLLVQPLAAV VSVTCQNLLP 60
SFWEYLTLNR AIAVTSQGGQ RAMSSLPILS KSDLSTMFRK KVSLRDSLMS AELITKVPQG120
EYWHQPNLHY LF 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

PVPGMNIGI AHPFNHPRC NVHLRSSVNG YFAQPHGNGG LGQDLLGQCS CPLVGGVPLL 60
VLGHSVHQP QYVGLSSTQS SAREDELLRQ GHPQTTGQPL SPSCPREEPS RGLNQSHDCR120
GSCSDRTK 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143 :

- (A) LÄNGE: 199 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

ASRAPASAGPE RPSRSPLRGT WRQNGCPRET GGAQGREAPG PAGGGGGGSR WAESGSGTSP 60
ESGDEEVSGA GSSPVSGGVN LFANDGSFLE LFKRKMEEEQ RQRQEEPPPG PQRPDQSAAA120
AGPGDPKRKG GPGSTLSFVG KRRGGNKLAL KTGIVAKKQK TEDEVLTSGK DAWAKYMAEV180
KKYKAHQCGD DDKTRPLVK 199

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

FVPASAFaHE AKCGARTALP LRIPGASGGG RLVGSLRTRG RLLLPLPLLL LHLPLEQLQE 60
AAVVGEQVHA ARHRARTRAR HLLVPALGRR PRSRLSPTAP ATATARGARS LPALSSARLP120
RAAILSPGAA QRTPGRPLRP RAWRPTR 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

ALYFFTSAMY LAHASPLLVN TSSSVFCFLA TIPVLRASLF PPLRLPTKLS VEPGPPFLFG 60
SPGPAAAADW SGRCGPGGGS SCRRCSSSI FRLNSSRKLP SLANKFTPPD TGLEPAPDTS120
SSPLSGDVPD PDSAQRLPPP PPPAGPGASR P 151

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

15

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

35

PSLRIHHSLF GOVKKLITDE FVKQKYLDYA RVPNSNPPEY EFFWGLRSYY ETSKMKVLKF 60
ACKVQKKDPK EWAAQYREAM EADLKAAAEA AAEAKARAEI RARMGIGLGS ENAAGPCNWD120
EADIGPWAKA RIQAGAEAKA KQESGSAST GASTSTNNSA SASASTSGGF SAGASLTATL180
TFGLFAGLGG AGASTSGSSG ACGFSYK 207<

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147 :

45

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

65

ERASKLVKYL LVKDQTKIPI KRSDMLRDVI QEYDEYFPEI IERASYTLEK MFRVNLKEID 60
KQSSLYILIS TQESSAGILG TTKDTPKLGL LMVILSVIFM NGNKASEAVI WEVLRKLGLR120

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

RERLAGLTIS KISLVGETTG TRAATGAGTS STKASEEPKC ESGGQAGTST EATTGAGTGT 60
GTVIGTGTGT SAGTATLLGF GFSFCSRLDP GFGPGSDISF VPVAGPGSIL RAEPNAHSSS120
30 NLGPSLGFSC SLSCSLQIRF HRLSVLSCPF LGILLLYLAG KLEDFHLAGL IVRAQAPEEL180
IFRGIAIGDS GIVQVLLHK LISDELLHVP KE 212

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

AFLEPAPGHR QHAPASRLRE STQLPRPFTS TAAAGMAASV EQREGTIQVQ GQALFFREAL 60
PGSGQARFSV LLLHGIRFSS ETWQNLGTLH RLAQAGYRAV AIDLPGLGHS KEAAPAPIG120
60 ELAPGSFLAA VVDALELGPP VVISPSLSGM YSLPFLTAPG SQLPGFVPVA PICTDKINAA180
NYASVKTPAL IVYGDQDPMG QTSFEHLKQL PNHRVLIMKG AGHPCYLDKP EEWHTGLLDF240
LQGLQ 245

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

RSSSRPQVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRRCR ARPSSSERPC 60
PAVGRLASLY CCCMVFFASPP RRGRTWVHCT GWRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLGI20
SWPLASWRL WWMPWSWAPR L 141

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

25

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

45

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60
VLPGLGGEAN TMQQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120
GELRGLAQTG SRRVLAVTWG RLEER 145

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

- (vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

IVLARNTNEW LSFLFPVALD ILIVLKFLKY IFWPLEYCQR QKMEVSYSPH FCLLGSL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

ATEGIPGDKS GMNKKQTSFA SGSTQGARRC TSKTLRQLKC QVPQGREMIT RNLYF 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

YYLTQLHNTK TNTNKKGLGS WASFTFFPLF VSFFYLISPK GSRCLDIQSA VERKEGKKT 60
N 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

20

TTEMDLIHKL MCESLDKSRD SSFVKIKCTV EYEVTNHVAF PSTNTYIH

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

25

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

45

QMNCIFYLR THTSICVLNP SLWSTQGFDP DFTSLLLASV SYSVPDHFS

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

50

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

FFFFFFFF LGRSLGFIRS VGTLFRSEAP PSHGVGDSSG RGNPSEHPGG CVVSMYFALP 60
HLFHGVPCQG QALICGEGSK QRRRPFRGGE RAVAPRTPSP AHDIPKETK IKPRGLST 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FFFFFFFF GKKPWLYSLC GDTVPRGGS QPWGGQWWA WESQRASWRV RRLHVFCSSP60
SFPWGPLPGS STNMW 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

NKAFGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQLS PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

20

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VVPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHPGW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120
PSClACLpCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

50

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60
LGGAGCWfEG GHRAWLVFPA SLILLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

55

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

SHIPGPKSVN TKHVRQCQHL PPASQAAVPE GKGSLOPSAF IRAAAPRQQY WEPLSSPRIN 60
SEASDPADLN HQGACQRRGS DSAGQASRLY KFQKAGLHSD LFQQLLPARE APSETQRLHN120
THHVPGWCSG SPYQEEAPPC EGGGPEGGPR KPDQEPGNQV QDLPGHARV 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

IIREPVRGGA VTLRDQAGY ISFRRLGSTQ IFSSSCCLPE RRLQRPSAYT IPTMSQAGAQ 60
EAPIKKRPP VKEEDLKGAR GNLTKNQEI SKTYQVMREC EQAGSAAPSV FSRTGTGTET120
VFEKPKAGPT KSVFG 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

RAWTVGEGGS PRDSRGEEAF WHKKEFLGKA PVSEHSGSKG SGAHFAEDT LGGSGFGLLK 60

DSLGTGAGAA EHRGGRASL LTLSDLVGL GLDFLVLGQV SSGPLQVLLL HRGALLLD RG120
 FLSTSLGHGG YCVSAGSLKA PLWQAAAAGK DLGAQPSET YIACLLVPQS HCPSSDRLPD180
 DSGPQGRWLQ SLFSEMRGAP STAAWGLQP 209

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

EKYEELRRKK KKKKRTNNLN CLLQNVGHFM LREEFQGMAM ECTSMWADFQ QTLFPLFKEL60
 VDYCHSLHNP VGSSDPYKLE NIIFCLLMIQ LMPYSS 96

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

EKVPQRQNHN MSRRNKKLLD IPGSFLYDSG LQVKFLSLSS EEFELIPAKY FNLFITASSP 60
 IFFLGKGM LGPKLLAGGG AMCHSITDGC KCFTEQGSGL QQL 103

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167 :

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

ENSRHPRQLN QTNRSRRALR SCRTKAWRRS GPRPDPKMR GVGPAFRVVR KMAASGAERR60
SWYNTWCYER IYHKLRSPGR RAHW 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO168:

SQDAPGSRSG LSGGQEDGGL WGGAAQVLVQY LVLRKDLSQA PFSWPAGALV AQACHAATAA 60
LHTHRDHPHT AAYLQELGRM RKVVLEAPDE TTLKELAETL QQKNIDHMLW LEQPENIATC120
IALRPYPKEE VGQYLKKFRL FK 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

TIGTSSNTGP LLPWGRAGEQ YKWRYSLVAQ ATACGQCSSV AGSRPAPLGW SHLGPRGPLC 60
ACAPALGGKR LCAGGRGECA RPRWPRDKPA LPVRPPARRT ELVIDPFVTP SIVPGPALRP120
RGRHLPDHPK GRTYSPVHLG IRAGP 145

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

10

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

DPQGPFTAAP RALGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLPTLSLN TFIIVRRGRW120
DFGRSAAATA SGGILFIFAL RWLKAFI 147

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRLSA GAPPRTHSQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGS 147

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- 5 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

25 ISSIAMAEGI YLTIFLPGYV CEAPERRQIK SIY LHSTK

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 30 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

50 LYCANILTLF VSFQEPHRI QVKRSLNKCL QPSQLRIS

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 55 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

SWPFNPTRAL PCSSTSKGSW PLIRICPPET PPDAGPGDA VLCTGNGRHC QISTLLPLGR 60
LGASCSDSQS GEMTLTLES WWQAAVHGGE VSALDWTEER LLPWGHTAK LLPPLH 116

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

NCSQGQQLAT FSSDWEIQED SRLMCSSVQK ALFEEEDHVK KLQOKVATLE KRNRLRERV 60
KKVKRSLRQA RKKGRHLELA NQKLSEKLAA GALPHINARG PVRPPYLRG 109

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

40

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

60

LHVRNLTHSQ LPPGLALHTW QPPGPLPPQV GGAHGPPGVD VRQARRQLL TEFLVRQLQV 60
AALLTRLPGQ PLDLLHSLPE LPVALLQGGH FLLQFLDVVL LLKQGLLHRG AHEPTVFLDF120
PVTGESRQLL PLRTV 135

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

FFFFLSFLDD SIAVKFENAL GLEAAKMQEE EYLSVERAIR LC

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

KRCHKYNRKR KGQYKYSFVI LLFYDKINQL YQHSIALST DRYSSSCILA ASNPSAFSNL60
TAMESSRKLK KKKK

74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

HPLRHSLCVL KPCECALSPG SLLLLLTLVL LTSKSLEGRT ESKFGIVENK CRFLSRNHCE60
GAVYCRML 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

LQPRDRGPLD MAPRRQNLFK MGNGESVERV GVGYIGTLGR HPCMPPEFFF LPVKTQGLLV60
NAE 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

NSAFTRRPCV FTGRKKKKGG IQGCLPKVPI YPTPTLSTDS PFPILNKFCL LGAISRGPLS 60
LGCNYNLQGS ADLLLFSLFP ATLRSYICTV PTPYYLFIDK LIVITFYNTL LPHNDFYSRT120
CIYFLLSQIY SQFFPQDF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

25 SLDNKKISRA RHSGHTCNLS SHDHTNALQP VKQSETLSLQ KNKKEKKEKI SYIYPCNFHF60
LFSSFFFPSPG VTSFLPDDFL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- 30 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

MESGMFFAGF SYCKLWQIQG SLHLLFISYA SKSKTFLYQD NLEKKGGKG KEKAEGTNKS60
NWQKLSIIIVY TLNYINNHII CK 82

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 60 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

NRVRLCLYRK IKKKRKKRSH IFTHVIFISC FLHSSFHLVS LPFCLTTSFN VFYSSGLQDS60
LSFVCLFLFL KDIFTVY 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

RNEQNTRTHI HPHLMRTHV LCYHWP RKRE SQDSRAWTWG KGLLWDSAPQ PLGGPRVWGQ 60
DWVSALTHRI SPGPKA EKKS GRRSRQGW TKVGVRLKSG SETRFDHTHH PSVPPGQHAP120
LEPLHRLIRT RQNLLLTNLL RAVYRGITLV QEGCPSCFHT TTGPTIPLLA SLRRPRDPQK180
PGEKESWPLV STAFRATGGD AQMTWVKGLS QT 212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS IHQDLYTVAA AIGTMIONIK YISIIYINTQL 60
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTIV LNDGSEGRRE MGKHSLSLTM CSHTHAQTGH120
RHRVSNSLT LIGQAWDIP LQ 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

TEVLQHFHGL RTEGPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT 60
LNLKFHCPAP PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK120
GCSGTLPPNL LEDPECGGRI GCLP 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

FRPWTLDLVD EGHWPGRVFE GGRRLAWVP TGCLTSSCSL HLGCVGQGLC CHSRNRFSSV 60
GLPFLHPGLK WMPDANPSSG HVQPAGQPRG SLSSRAKDSR LPFSLLAFLI CPAVAAGEAA120
AAGGRRSCLS APPCPTPAPA LEIWSPLELS WTGGQLRACA LNAALSRGRE QDGEWKESPP180
GFVNCKKGPFF QDDTRNRARA LAQSLGACLF FIIIVFKSL 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

PAVNLRAHTR ASAQSPRGQL QDSERNVNFR KTNHFSHKCS KYCVGHINAR KLSFVYLKFA 60
FNSALCFGFA KSGQPWPQKS VGGGLRKERE VVSTEGIEGR EGITQPKRKK RLSPHRNDIL120
FKKKIVLQKY SALAFLSC 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

QHSPCPTQPK CREHDEVRRP VGTHASPLRP PKTRGPGQCP SSTRSRVHGL NQGSWLPLRR 60
RVKGHSGVGA GRRCSQELPV ATHCPHTRI MKENSLSGCL ETAARALSGP RKAGCAPPGC120
LSAAGEGAIV PCGVAAHAAG 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

GTSYLPHTL VYLFTERLNC HLAHSHKCV LYFKKNMPRE CLSVDSTFTS IKNSNLTKLD60
FHYKAAVFQS SMLTYMYIKI IAYLLIYK 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWFDPDVN NINASAVGPL LRCLRRNEVL60
AISINFVFYL QFGRRKVT 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

NTKLMDMAKT KFLRRHLSKG PTADALMLFT TSGNQVGHDG TITMAGNEFN KNFTFWLKIT60
YWCKKIPNQI KSYCFD 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

SLLSQGFACK HSNCFEFHFA FSKLEVFND

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

VQLWHQSWSP QQTHHTFILK TQYILLQVKI YKSSFKEHPF QCPSRIVYSV C

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

10 AIMASVMVPT TDP SHFHTQN TVYPFASKNI

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

15 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

35 GYFSLTFSK ALLSLLGTLG GTRCFQLCCL WPRSPSWHPQ AVGVSGELPA LLLNISSPQG60
QPY 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

40

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

60

HFPKLCYHSW GHWEPAASS YAACGLGVPR GILRLWVYPE SCLHYF

46

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

20

GCHGELLGHK QHSWKQRVPP SVPRSDNRAL ENVRQEKYPQ AYPSLGYICL CLCLTCPAQD60
V 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

25

- (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

45

SRSNTPSCVL SFPDTAYLDG VSLPDFELLS DPEDEHLCAN LMQLLQESLA QARLGSRRA 60
RLLMPSQLVS QVGKELLRLA YSEPCGLRGA LLDVCVEQ GK SCHSVGQLAL DPSLVPTFQL120
TLVRLDSRL WPKIQGLFSS ANSPFLPGFS QSLTLSTGFR VIKKKLYSSE QLLIEEC 177

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GGGGGIVFPR KLIELCAGGC ALGHTPOYC SMKQRLRGQQ GFQLDVCVAC TLLFLLLTVN 60
SGVTSREQLG CSRPSLAQGE GRGTCSSQEP EGGGRSEVVE VVCVSYWSEG TKCVCCLEFCI120
LFF 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

SPPQKFSRLC LGGHCRPPQV EVQHSSMSSC SELYSFFLMT RKPVLSDVDW LKPGRKGELA 60
ELNSPWILGQ SRESRRSTRV SWKVGTRLGS SASWPTLWQL LPCSTQTSSS APRRPHGSL 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

YISLCYHAWG RKRMAPECHP HLTSPEAPRL CPEHVLASRE SRSSHCVDK RKSPGEGWEG 60
MKLGPGVGVG AVACGPGILK RKKSSNTSVL SGEKTTALHI LVPGNGYSPP LSGVLWSFLI120
PFTRWSNSHV RFLSSLLSKH IR 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

LHSLPPLPRT LTFSVHAMTG TGFSRSK HML WAEAGCFRGG QVGVAFWGHA FSSPCVVTQG60
NVLTVKENS K AGHTGRARLA LLSPVLCKDG VGRGDSRD 98

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

KKNSSLPSP L TPASAPIMKA FSPLSTLKAK IKQNP KCDNI SDLKGGKKVS LNEASHGSKM 60
ALFLCWGSTT FHGSHLCCAH LICLDNKELR KRTCELLHRV NGIRKLQ RTP ESGGE 115

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

APVRVPALCP RGWSSAPVP GLLILGPASS RSARLLFPAL CEAEKEEQPV QNPRRTGKGG60
EISTWKNSTV KMKEWLQTK E RWMKNSHKT RESQK 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGKMN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60
LENEGKTENK GKTGDEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLPPL SLTFLLPLP HSLAFYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60
LPEYKLLAF SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHC RVFPCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120
AERWEQQTRR PGRSWTKM 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

5

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

RDARINYGST FFPLLFLSQL SLLFWVPLRI NGCKVFSCAF ILCHSIGRRC NGRIASCWGF60
SFKHCK 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

30

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

50

HRQHSPLFRP STCIVKITAY PPQISSIHCS CYARMCPKSC FNFFFLNVIM FWMIPEQGCL 60
FFIYYHYILY YIIYFLLSYN FGGKSNLGII KIVLKRSKFS S 101

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

60

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

TLQVTEKPTQ LDCIFEVHMV AISLAVFEGK PPTRCYSVT PPSNRMTQNK GTGKYLT SIN 60
PKWDPKQKRQ LAQEQEGKKG TAIIDPSIPS WLQCVTLTFQ 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

CFPAQEPQGR IAMAPSRNGM VLKPHFHNNP KIRRRKARQA KARRIARAPR R 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

PTRGAGDAAR LGLPGLTSAD LRV'VEVGLQ DHAIPAGRHG YTALRLLRRK T 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

RRGARAMRRA LACRALRLRI LGLLWKWGFK TMPFRLGAMA IRPCGSCAGK

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

NRHFEIIWNL NCWIIYIWTI LILPFYFPRR IINKHTDESL GDCSFLNTCF HMDTCKYVHY 60
 EIDACMDSEA PGSKDHTPSQ ELALTQSVGG DSSADRLFPP QWICCDIRYL DVSILGKFAV120
 VMADPPWDIH MELPYGTLTD DEMRRLNIPV LQDDGFLFLW VTGRAMELGR ECLNLWGYER180
 VDEIIWVKTN QLQRIIRTGR TGHWLNHGKE HCLVSSSGAQ FNRWSTKKNH LISY 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

YQQKCGSFGG LGSTYLSYDH ITIQTLEVAL GISFDTNLLT TDNRLPYETT PLNFFSVRNQ 60
MILLCAPPIE LGPTAAHQAV FLPMVQPVTC TACPNDALQL ICLHPNNFIY PFIPPEV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

YGYVEPAHLI ICQGPIGQFH VNIPGWVSHH NCKLAQD TDV QVADITTDPL RWEESVCTGI 60
TSDTLCKSKL LAWRVFAAR GLRIHASINF IVNILAGIHV ETCIKERAVT 110

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 1-103.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäuresequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1-103, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 103, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist. 5
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen. 10
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist. 15
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden. 20
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 104–217. 25
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 104 bis 217, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom. 30
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 in sense oder antisense Form. 35
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 104 bis Seq. ID No. 217 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 104 bis Seq. ID No. 217, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 104 bis Seq. ID No. 217. 40
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103. 45
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist. 50
39. Eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1, 2, 4, 8, 9, 21, 24, 26, 29, 30, 31, 36, 40, 42, 51, 53, 60, 68, 72, 73, 75, 78, 80, 81, 82, 87, 89, und 100, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
40. Eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 5, 46, 49, 56, 61 und 77, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Penistumorgewebe erhöht exprimiert sind. 55
41. Eine Nukleinsäuresequenz Seq ID No. 44, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Nierentumorgewebe erhöht exprimiert sind.

- Leerseite -

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

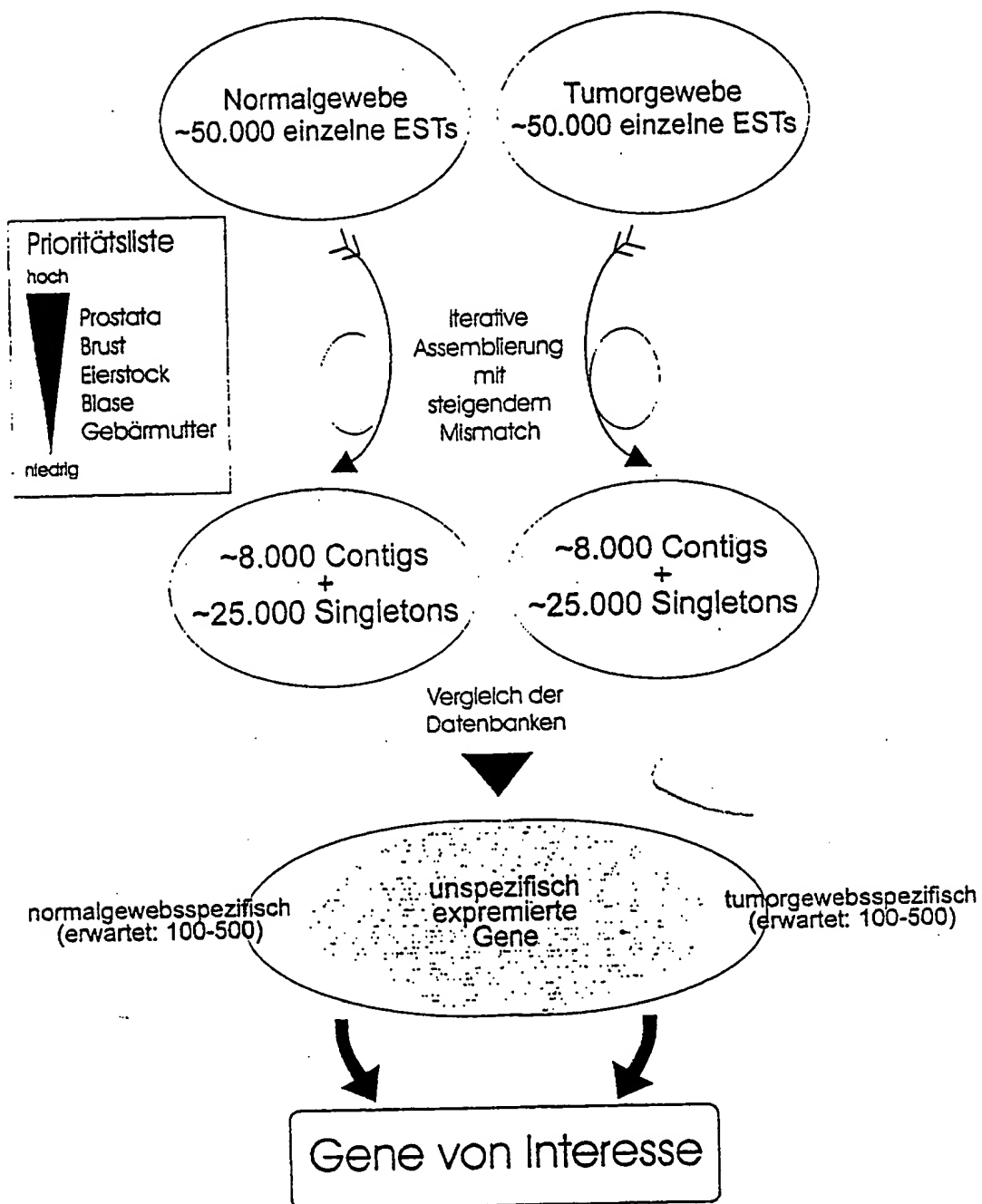


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

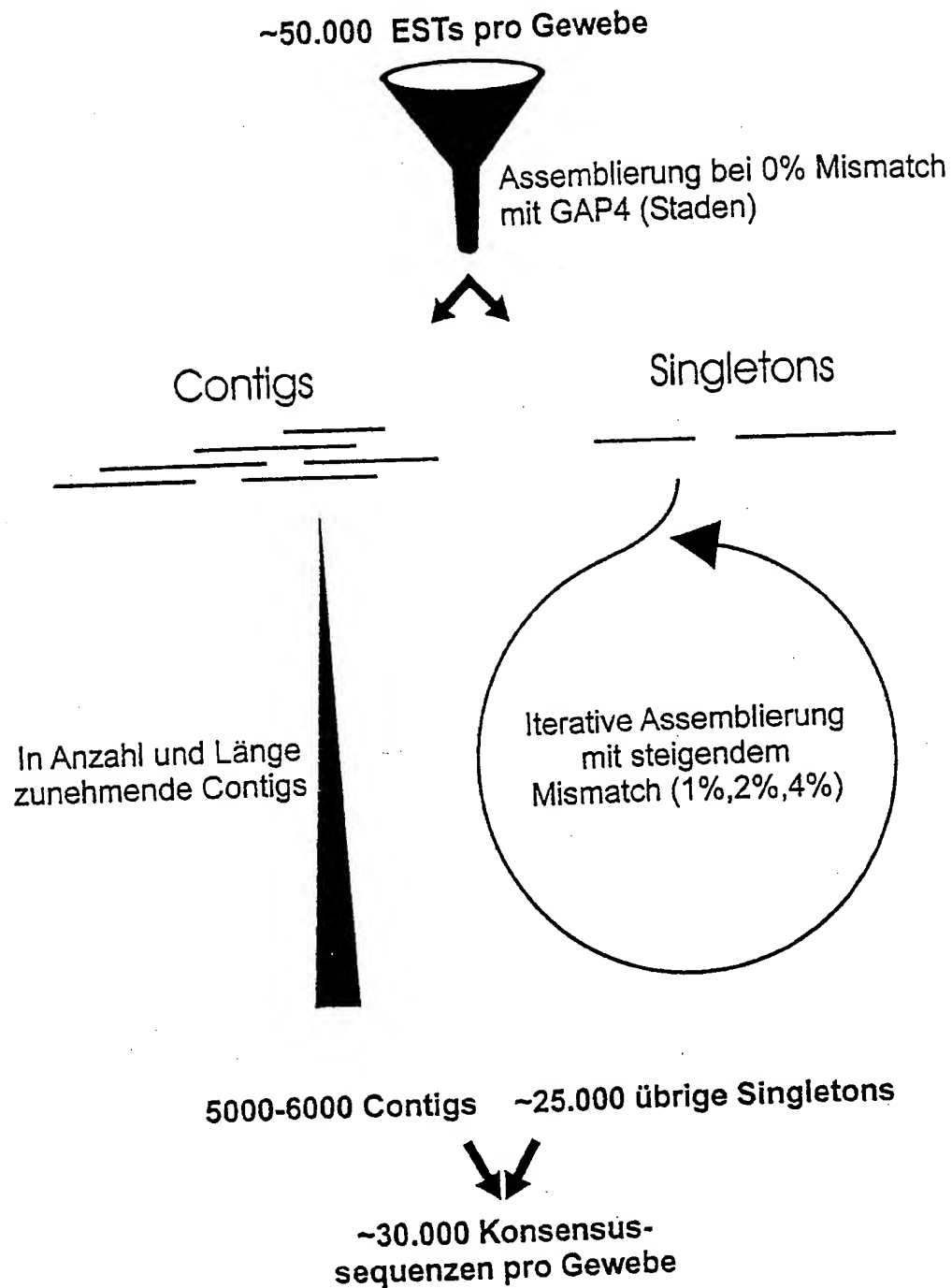


Fig. 2a

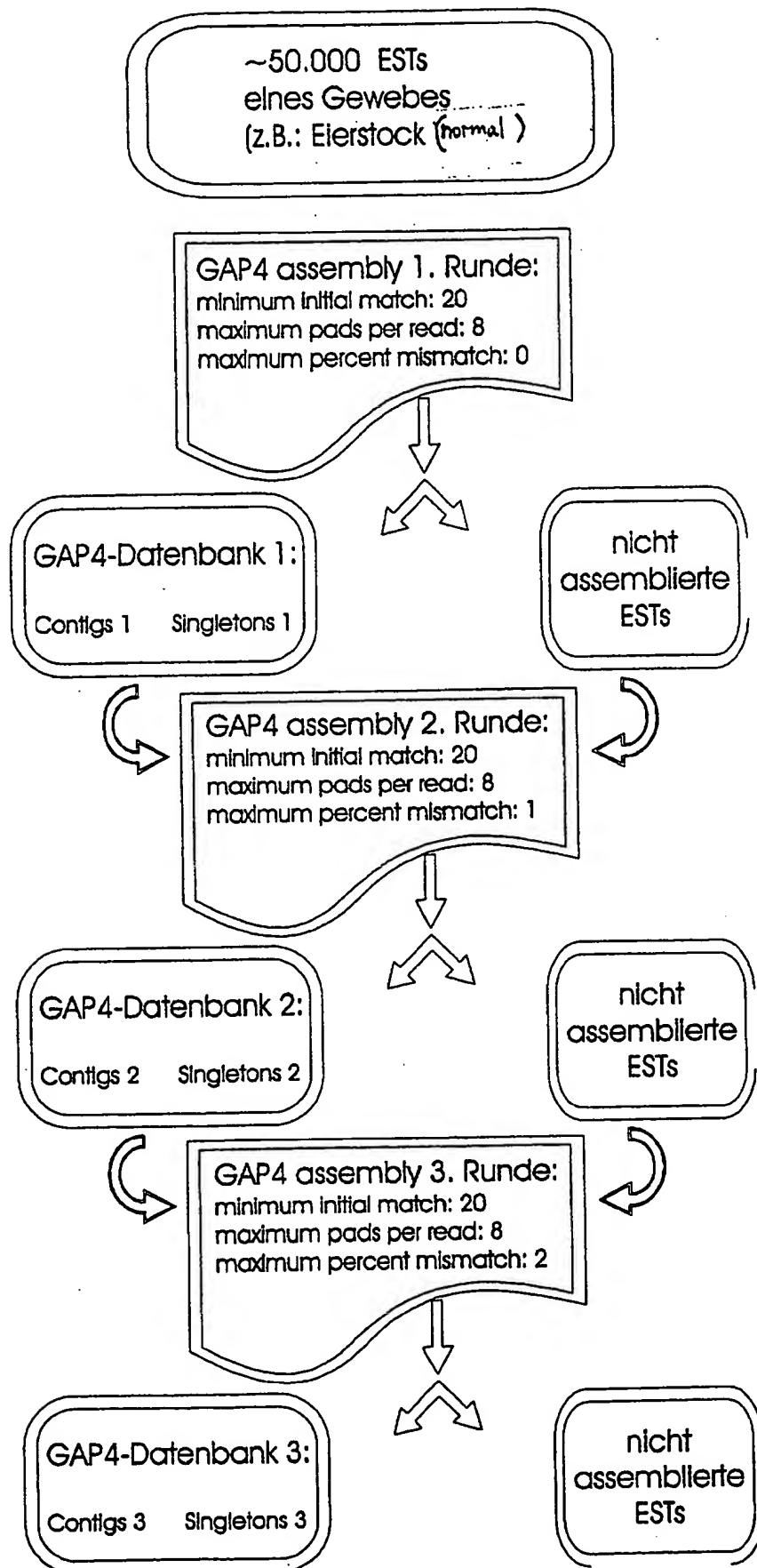


Fig. 2b1

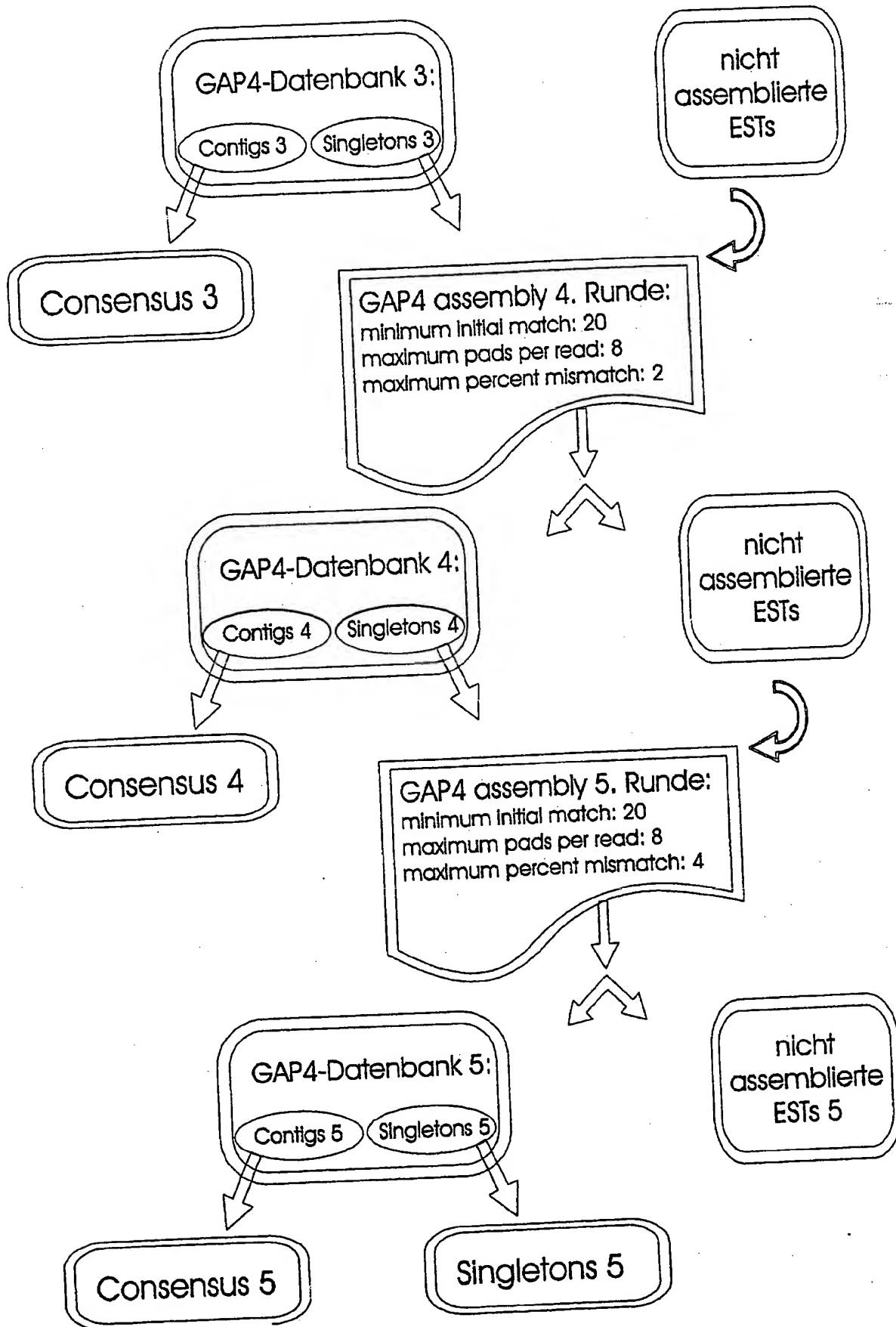


Fig. 2b2

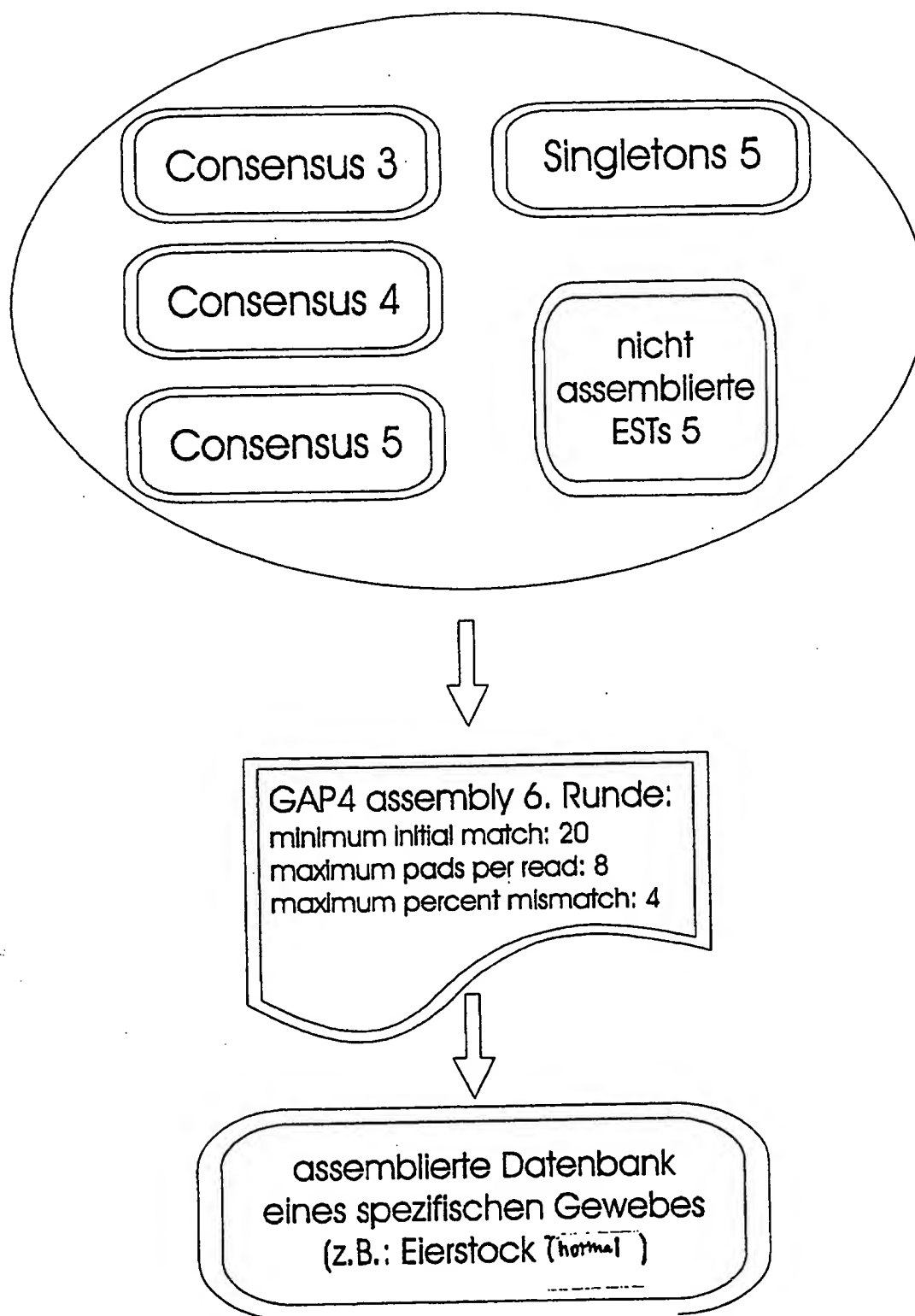


Fig. 2b3

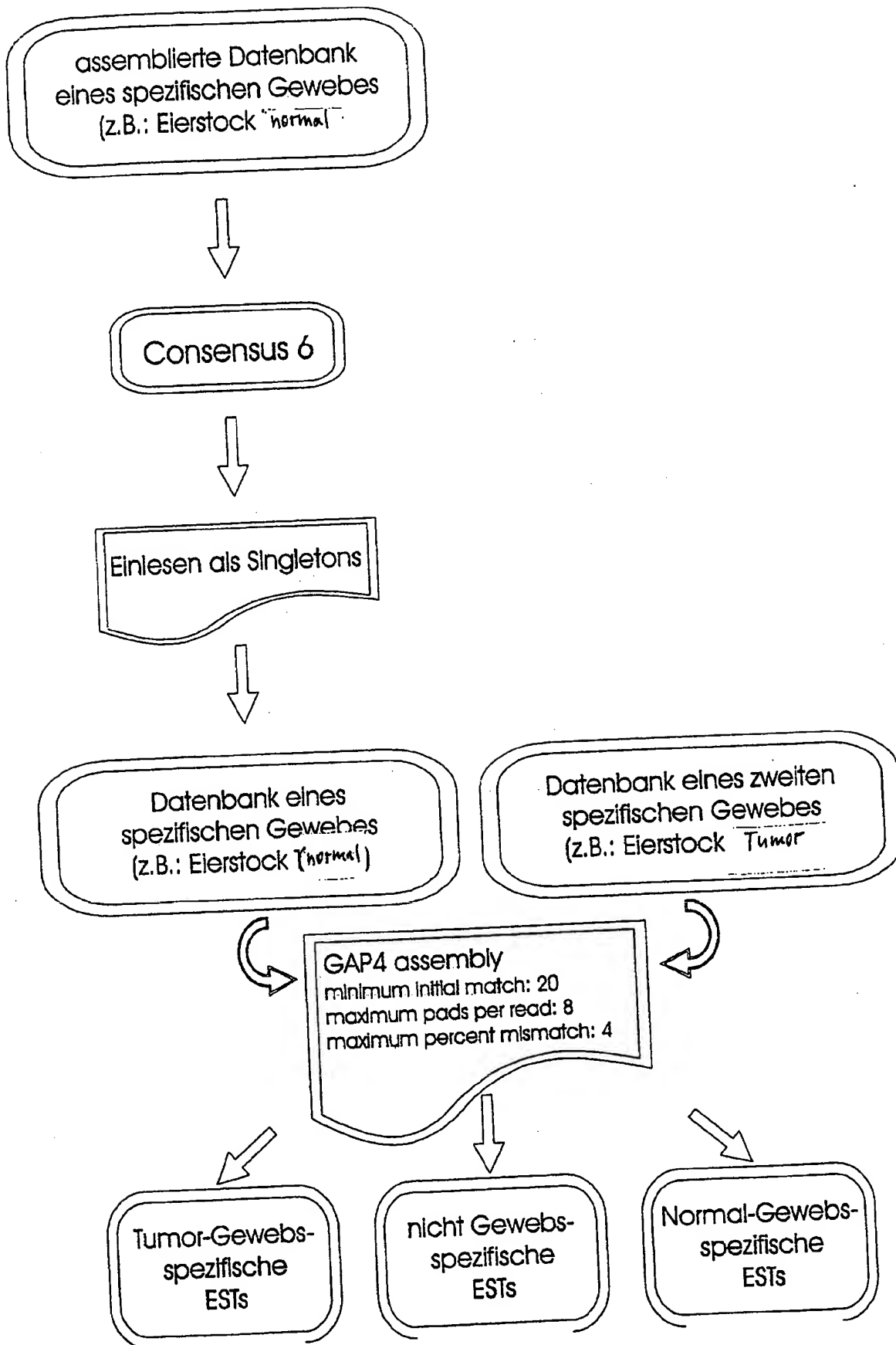


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

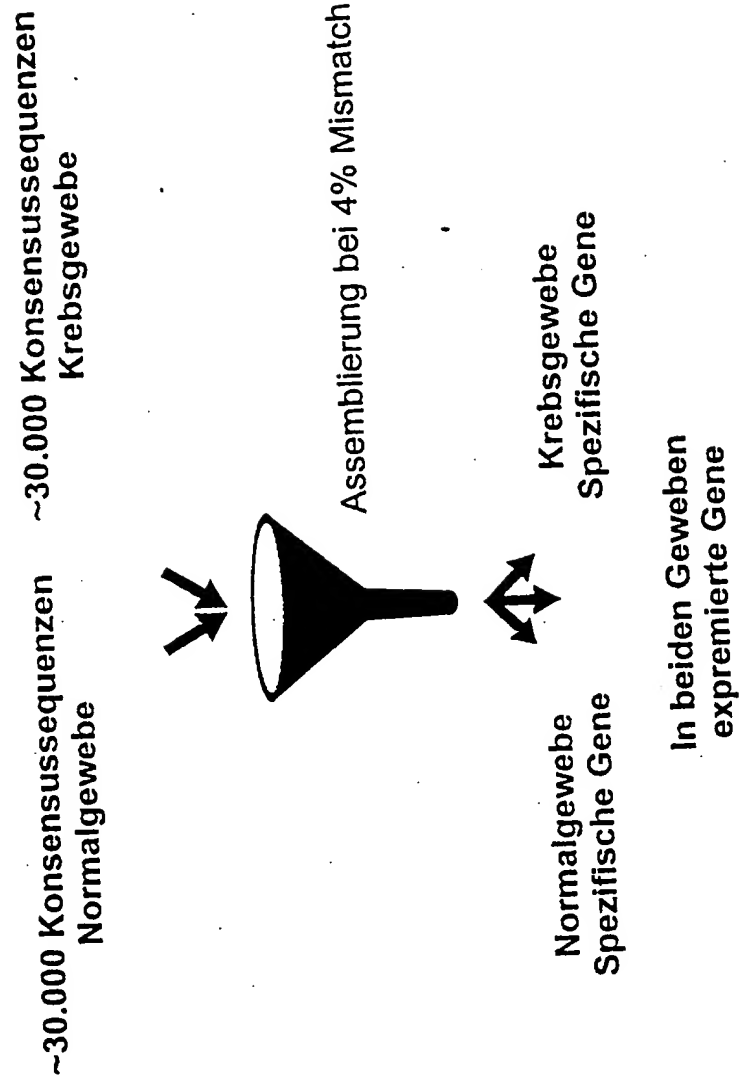


Fig. 3

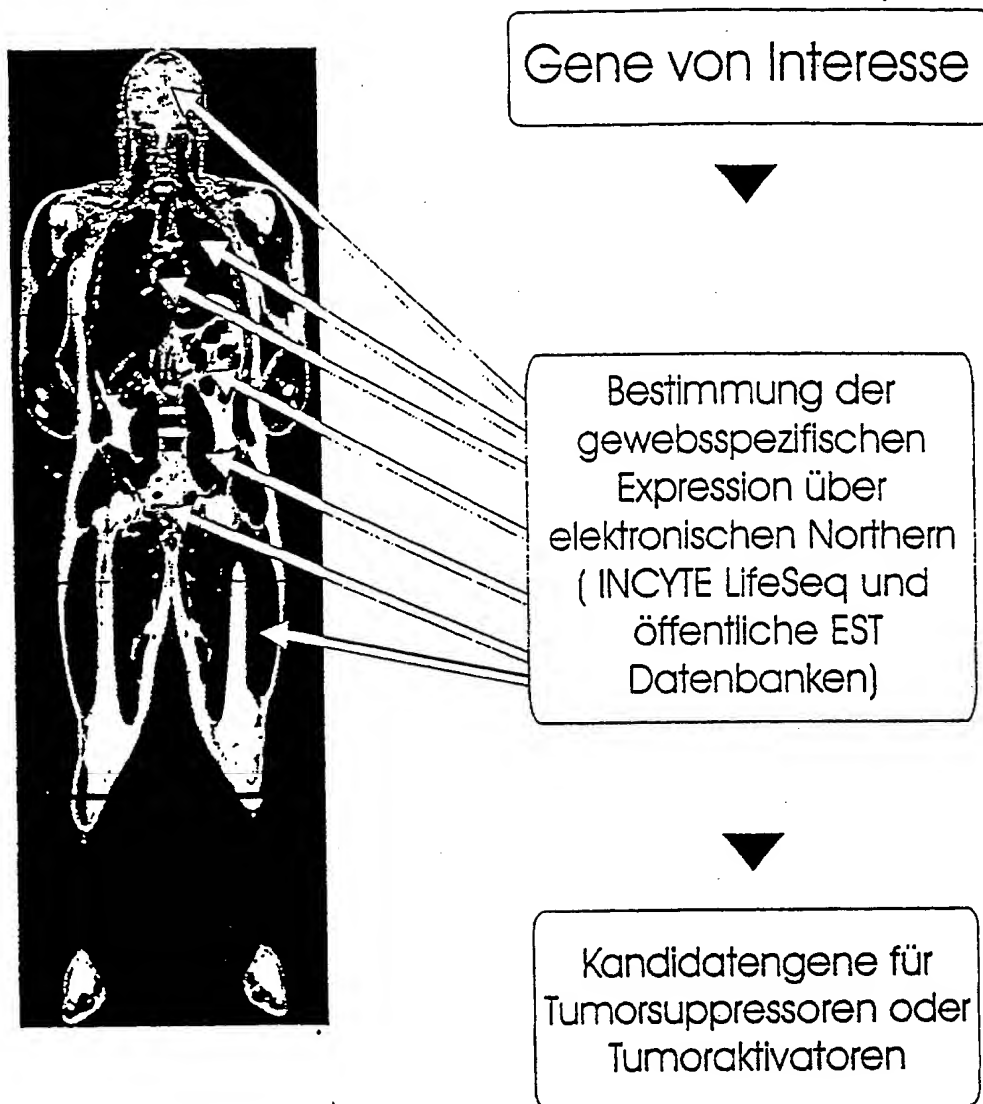


Fig. 4a

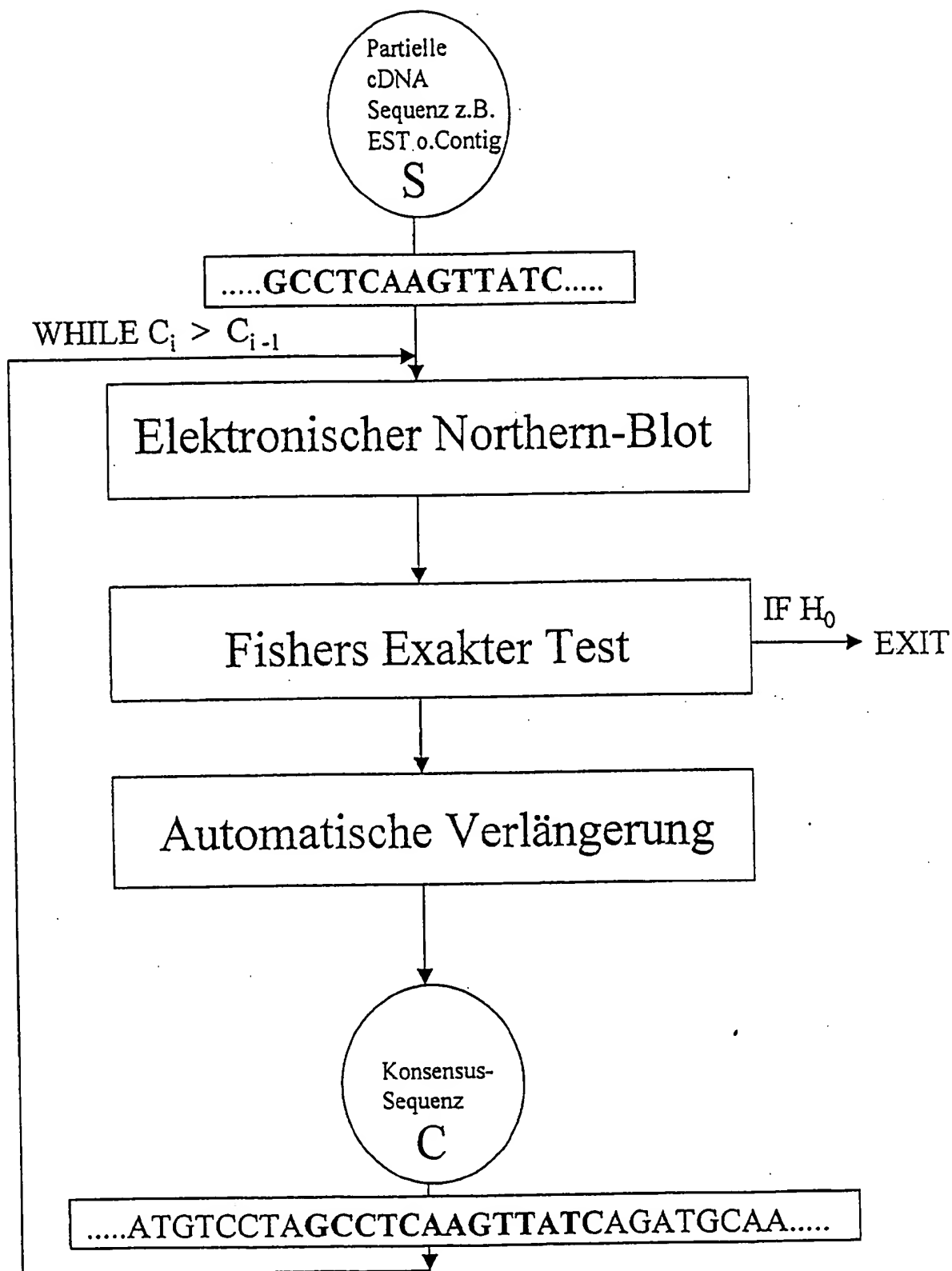


Fig. 4b

REÇU 2 8 JUIN 2000

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



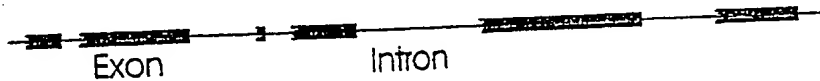
Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5